APLICACIONES CIENTÍFICAS, LIBRERÍAS Y COMPILADORES

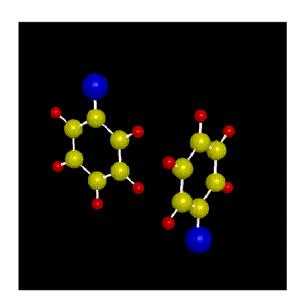


agomez@cesga.es

CENTRO DE SUPERCOMPUTACIÓN DE GALICIA

CONTENIDOS

- Aplicaciones en el CESGA
- Librerías de cálculo
- Mejoras del rendimiento
- Compilación
- Conclusiones



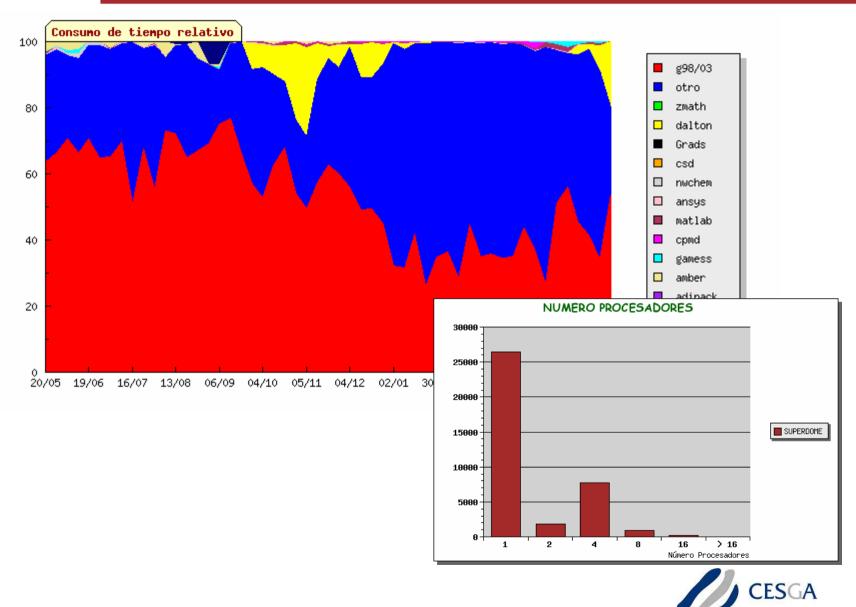




APLICACIONES INSTALADAS

Cálculo Estructural, Fluídos e Magnetismo Cálculo Molecular Cálculo Molecular Amber 8.0 Gaussian 98 Gaussian 03 Dalton CPMD GAMESS Molden NWCHEM GROMACS Simulación EGSnrc Geant SIMULINK MATLAB PAW, PAW++ ROOT Bioinformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter Genescan GiimmerM MUMer CHEN CROMPO CPMD CROMPO CROM				01:5	
Cálculo Molecular Amber 8.0 Gaussian 98 Gaussian 03 Dalton CPMD GAMESS Molden NWCHEM GROMACS EGSnrc Geant SIMULINK MATLAB Análise Científica Bioinformática Bioinformática Amber 8.0 Gaussian 98 Gaussian 03 X X X X X X X X X X X X X X X X X X X	Temas		SD	SVG	
Gaussian 98 Gaussian 03 Dalton CPMD CPMD GAMESS Molden NWCHEM GROMACS Simulación EGSnrc Geant SIMULINK MATLAB Análise Científica PAW, PAW++ ROOT Bioinformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter Genescan GlimmerM MUMer Phylip Visualización científica GRADS NCAR X X X X X X X X X X X X X X X X X X X		•			
Gaussian 03 Dalton CPMD CPMD CPMD CAMESS Molden NWCHEM GROMACS Simulación EGSnrc Geant SIMULINK MATLAB Análise Científica PAW, PAW++ ROOT Bioinformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter GeneScan GlimmerM MUMer Phylip Visualización científica CRADS NCAR VX X X X X X X X X X X X X X X X X X X	Cálculo Molecular	Amber 8.0			X
Dalton CPMD GAMESS Molden NWCHEM GROMACS Simulación EGSnrc Geant SIMULINK MATLAB Análise Científica PAW, PAW++ ROOT Bioinformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter GeneHunter Genscan GlimmerM MUMer Phylip Visualización científica Dalton X X X X X X X X X X X X X X X X X X X		Gaussian 98	X	X	X
CPMD GAMESS Molden NWCHEM GROMACS EGSnrc Geant SIMULINK MATLAB Análise Científica Bioinformática Bioinformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter Genecan GlimmerM MUMer Phylip Visualización científica CPMD X X X X X X X X X X X X X X X X X X X		Gaussian 03	X	X	X
GAMESS Molden NWCHEM GROMACS Simulación EGSnrc Geant SIMULINK MATLAB Análise Científica PAW, PAW++ ROOT Bioinformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter Genscan GlimmerM MUMer Phylip Visualización científica GRADS NCAR		Dalton	X	X	X
Molden NWCHEM GROMACS Simulación EGSnrc Geant SIMULINK MATLAB Análise Científica PAW, PAW++ ROOT Bioinformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter Genecan GeneHunter Genscan GlimmerM MUMer Phylip Visualización científica Molden NWCHEM X X X X X X X X X X X X X X X X X X X		CPMD	X	X	X
Simulación Simulación EGSnrc Geant SIMULINK MATLAB Análise Científica PAW, PAW++ ROOT Bioinformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter Genecan GlimmerM XXX XX X		GAMESS	X	X	X
Simulación Simulación EGSnrc Geant SIMULINK MATLAB Análise Científica PAW, PAW++ ROOT Bioinformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter Genescan GlimmerM MUMer Phylip Visualización científica NWCHEM GROMACS X X X X X X X X X X X X X X X X X X X		Molden	X		X
Simulación EGSnrc Geant SIMULINK MATLAB Análise Científica PAW, PAW++ ROOT Bioinformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter Genscan GlimmerM MUMer Phylip Visualización científica GRADS NCAR		NWCHEM	X	Х	Х
Simulación EGSnrc Geant SIMULINK MATLAB Análise Científica PAW, PAW++ ROOT Bioinformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter Genscan GlimmerM MUMer Phylip Visualización científica GRADS NCAR		GROMACS	X	X	X
Geant SIMULINK MATLAB Análise Científica PAW, PAW++ ROOT Bioinformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter Genscan GlimmerM MUMer Phylip Visualización científica GRADS NCAR X X	Simulación	EGSnrc			
SIMULINK MATLAB Análise Científica PAW, PAW++ ROOT Sioniformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter Genscan GlimmerM MUMer Phylip Visualización científica GRADS NCAR		Geant			
Análise Científica PAW, PAW++ ROOT Bioinformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter Genscan GlimmerM MUMer Phylip Visualización científica ROOT X X X X X X X X X X X X X X X X X X X					Х
Análise Científica PAW, PAW++ ROOT Bioinformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter Genscan GlimmerM MUMer Phylip Visualización científica VISUALIZACIÓN CIENTÍFICA PAW, PAW++ ROOT X X X X X X X X X X X X X X X X X X X		MATLAB		Х	X
Bioinformática BLAST ClustalW Combiner GeneHunter Genscan GlimmerM MUMer Phylip Visualización científica ROOT X X X X X X X X X X X X X X X X X X X	Análise Científica	PAW, PAW++			
ClustalW Combiner X X CeneHunter Genscan X X GlimmerM X X MUMer X Phylip Visualización científica GRADS X X NCAR				Х	Х
ClustalW Combiner X X CeneHunter Genscan X X GlimmerM X X MUMer X Phylip Visualización científica GRADS X X X	Bioinformática	BLAST	X		
Combiner X X GeneHunter X Genscan X X GlimmerM X X MUMer X X Phylip X Visualización científica GRADS X NCAR		ClustalW	X		
GeneHunter Genscan GlimmerM X X MUMer X Phylip Visualización científica GRADS X X NCAR		Combiner	X	Х	
GlimmerM X X X MUMer X X X Phylip X Visualización científica GRADS X X NCAR		GeneHunter	X		
GlimmerM X X X MUMer X X X Phylip X Visualización científica GRADS X X NCAR		Genscan	X	Х	
Visualización científica Phylip GRADS NCAR X X		GlimmerM	X	X	
Visualización científica Phylip GRADS NCAR X X		MUMer	X	X	
Visualización científica GRADS X X X X		Phylip			
NCAR X	Visualización científica				Х
			X		

USO APLICACIONES





LIBRERÍAS DE CÁLCULO

		SD	SC	SVG
libm	Funciones matemáticas	Χ	Χ	Χ
BLAS 1	Operaciones Vector-Vector	Χ	Χ	X
BLAS 2	Operaciones Matriz-Vector	X	X	X
BLAS 3	Operaciones Matriz-Matriz	X	X	X
BLAS SPARSE	Matrices sparse	X	X	
LAPACK	Ecuaciones lineales, mínimos cuadrados, autovalores			
	y descomposición valores singulares	X	Χ	X
FFT	Transformadas rápidas de Fourier	X	X	Е
ScaLAPACK	LAPACK para memoria distribuida	X	X	Χ
SuperLU	Solución de sistemas de ecuaciones lineales sparse	X		
Metis	partición grafos, elementos finitos, ordenación de			
	matrices sparse	X		

Utilizar siempre que se pueda librerías portadas por el fabricante.



LIBRERÍAS DE CÁLCULO: MULT. DE MATRICES

2.3 Gflops (800x800)

```
do j = 1, p

do k = 1, n

c(i,j) = c(i,j) + a(i,k) * b(k,j)

enddo

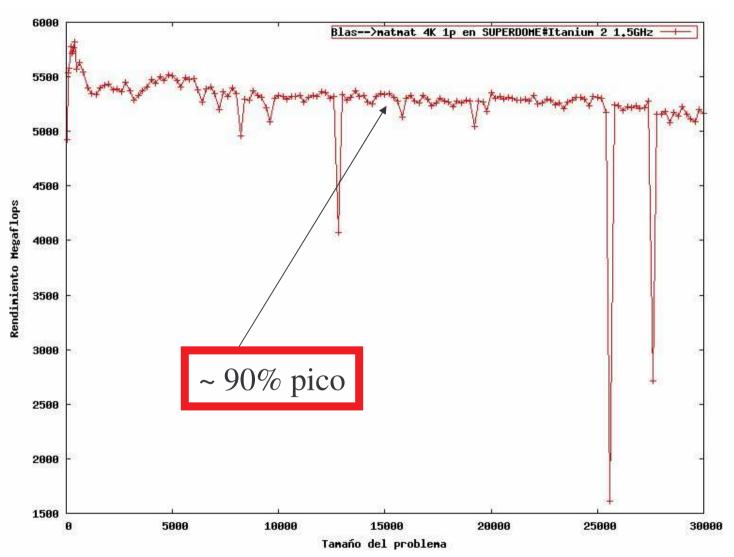
enddo
```

Caso 2: 5.7 Gflops (800x800)

```
call dgemm('no transpose', 'no transpose', m,n,p,
& 1.0d0, a, m, b, n, 0.0d0, c, m)
```

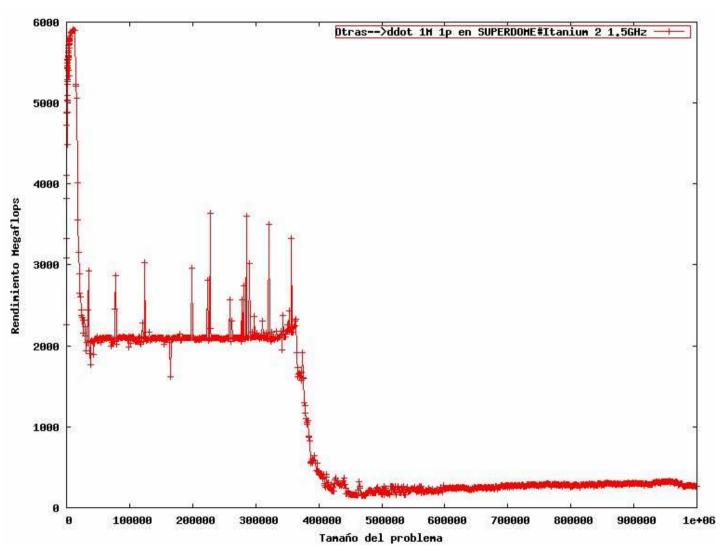


LIBRERÍAS DE CÁLCULO: MULT. DE MATRICES



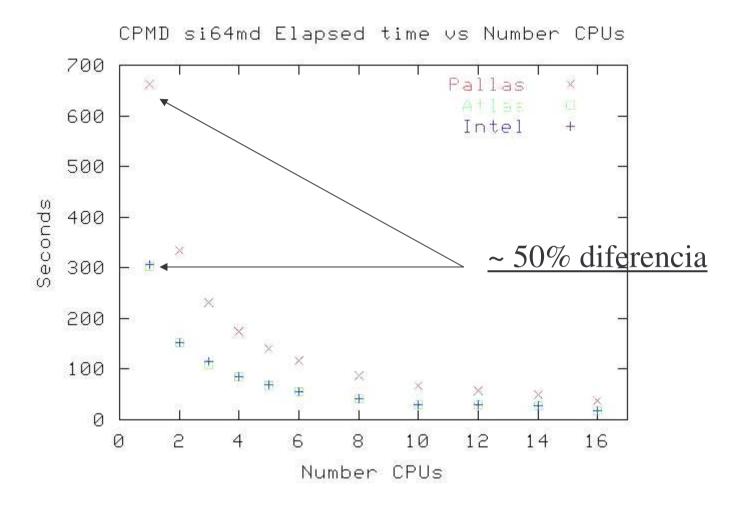


LIBRERÍAS DE CÁLCULO: DDOT 1.5GHZ





LIBRERÍAS DE CÁLCULO: EJEMPLO







EJECUCIÓN Y RENDIMIENTO

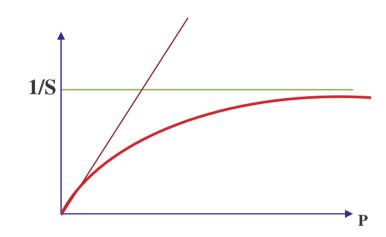
A la hora de ejecutar hay que tener en cuenta:

- 1. Es paralela. Grado de paralelización
- 2. ¿Qué algoritmo es el más idóneo para mi problema?
- 3. ¿Qué puedo hacer para mejorar el rendimiento?
- 4. ¿Qué recursos necesito?



Speed-up= t_1/t_n

t₁ tiempo de ejecución 1 CPU
t_n tiempo ejecución con n CPUs



Ley de Amdahl:

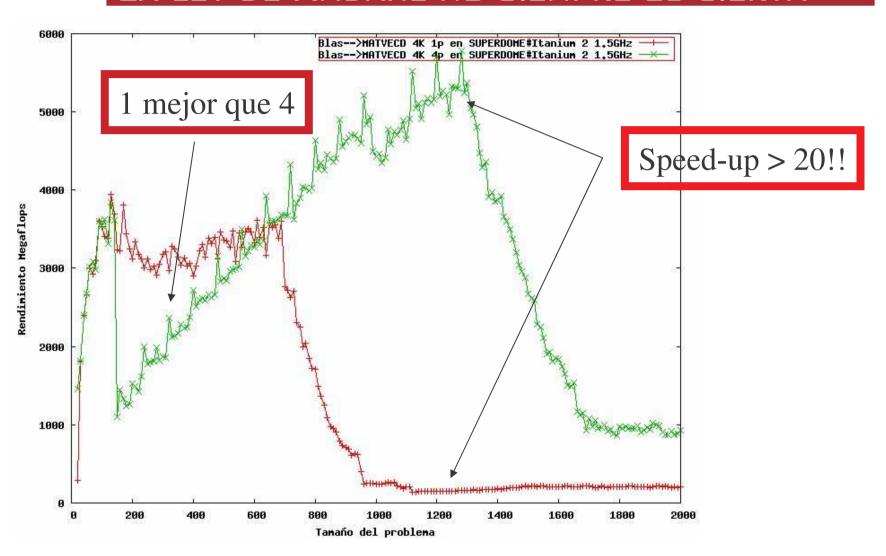
s = fracción código en seriep = fracción código en paralelo

$$t_1 = m$$

 $t_n = m * (s + p/n) \implies S = n/(s * n + p) \implies S(\infty) = 1/s$



LA LEY DE AMDAHL NO SIEMPRE ES CIERTA



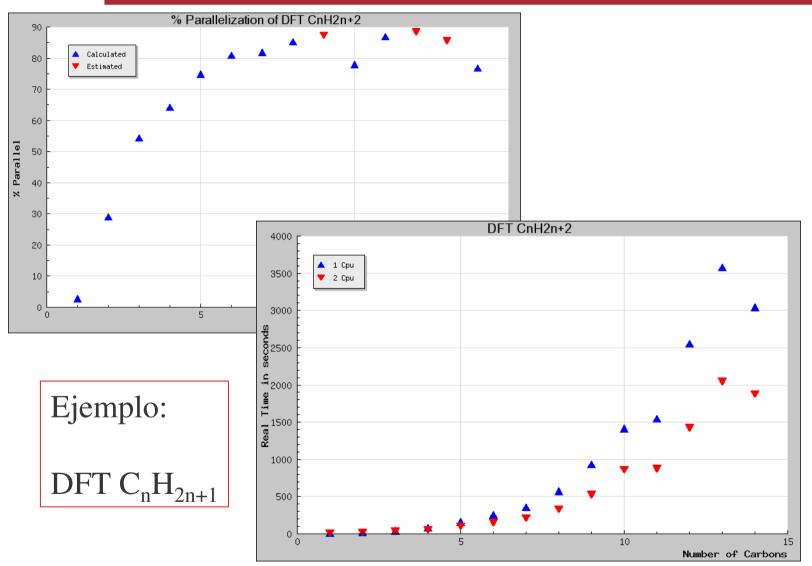


El grado de paralelización depende de:

- ⇒ El software
 - > Fracción de código paralelo
 - ➤ Tecnología de paralelización: OpenMP, MPI, OpenMP+MPI
 - Etc.
- El problema
 - Fracción de instrucciones paralelas

En general, MPI escala mejor que OpenMP





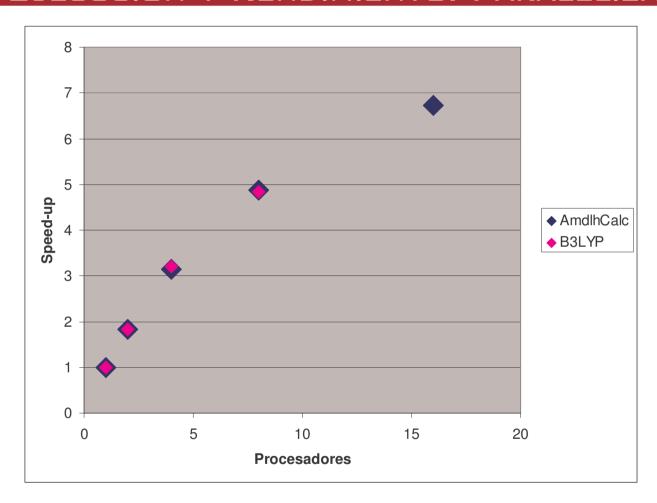


¿Cuántos procesadores utilizo?

- 1. Problema con la memoria: tantos como sea necesario para ejecutar el problema.
- 2. Problema de tiempo:
 - Calcular el fracción de código paralelo (t(1) y t(2))
 - Calcular la aceleración teórica
 - Generalmente seleccionar un número par

Ejemplo: http://perfsuite.ncsa.uiuc.edu/AmdahlCalc/





Ejemplo: http://perfsuite.ncsa.uiuc.edu/AmdahlCalc/



- ⇒ El HP Superdome soporta varios tamaños de página de memoria desde 4k hasta 4G
- ⇒ Se puede seleccionar independientemente para datos y código
- ⇒ Por defecto, al compilar con +Ofast se selecciona 4M
- La selección se realiza con el comando *chatr*
- ⇒En PIV están soportadas 4k, (2M) y 4M (en Linux, ver /usr/src/linux-2.4/Documentation/vm/hugetlbpage.txt)



EJECUCIÓN Y RENDIMIENTO: CHATR (SOLO SUPERDOME)

Permite cambiar propiedades del ejecutable. Por ejemplo:

→ [+pd size] cambia el tamaño de página de los segmentos de datos.

⊃ Posibles: D, L, 4K, 16K, 64K, 256K,1M, 4M, 16M, 64M, 256M, 1G y 4G.

⇒ Es una solicitud al S.O.. El valor final puede variar en el momento de la ejecución.

⇒ [+pi size] Cambia el tamaño de página de los segmentos de código.

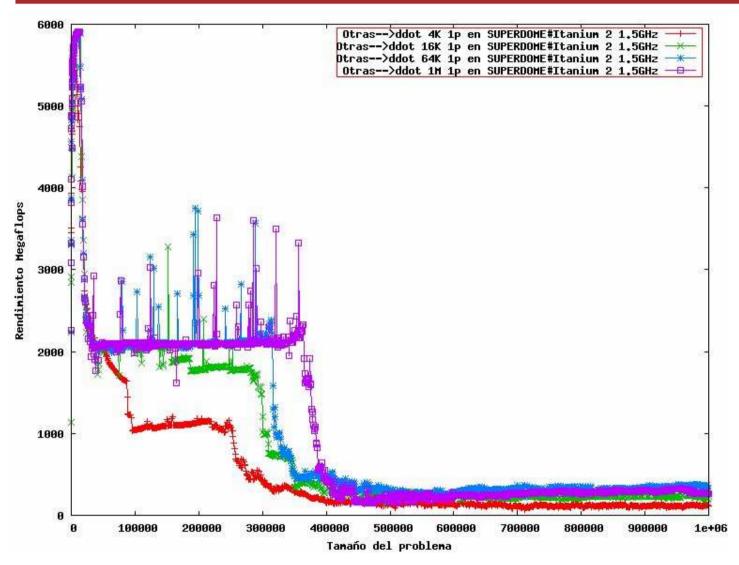
⇒ [+id flag] Controla el tipo de memoria

⇒ Enable: memoria interleaved

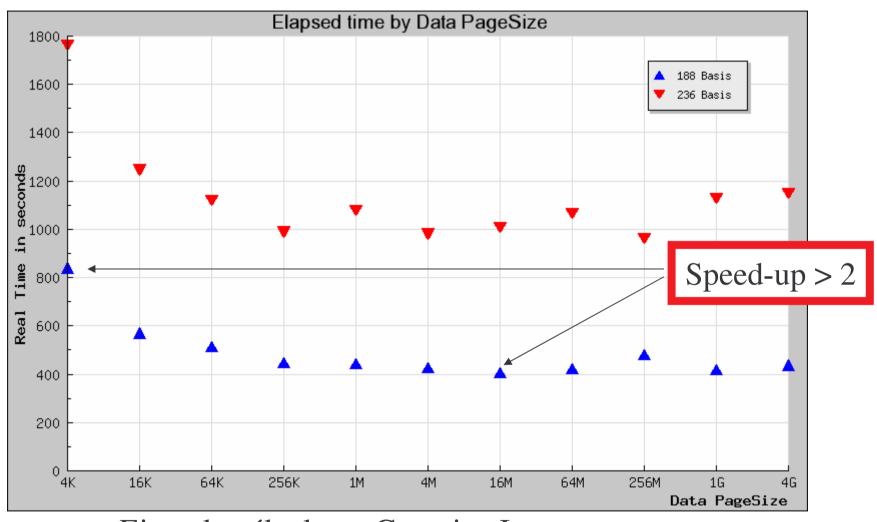
⊃ Disable: memoria local a la celda.

○ [+mergeseg] Controla si se juntan los segmentos de datos de las librerías dinámicas.



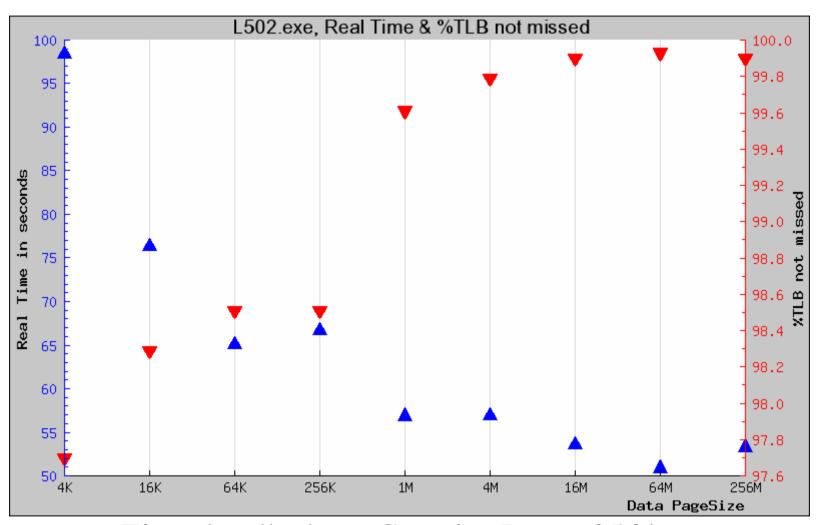






Ejemplo cálculo en Gaussian Incore

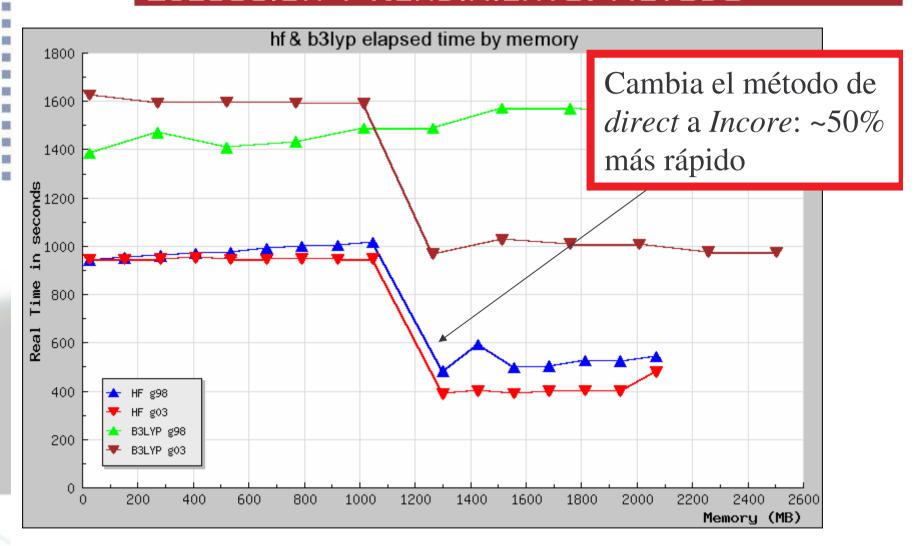




Ejemplo cálculo en Gaussian Incore 256 bases



EJECUCIÓN Y RENDIMIENTO: MÉTODO



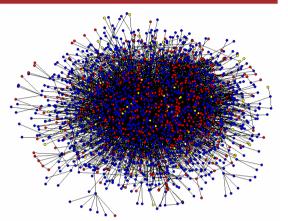


EJECUCIÓN Y RENDIMIENTO: MÉTODO

Cálculo centralidad de la red:

$$SC(i) = \sum_{j} [\gamma(i)]^{2} \cdot e^{\lambda_{j}}$$

 $\begin{cases} \gamma \text{ Autovectores} \\ \lambda \text{ Autovalores} \end{cases}$



○ Ineficiente:

```
for (i=1;i<N;i++)

{

sc[i]=0.0;
for (j=1;j<N;j++)
sc[i]=sc[i]+gamma[i,j]*gamma[i,j]*exp(lambda[j]);
}

Eficiente: \Rightarrow SC = \Gamma^2 \cdot e^{\Lambda}
```

dgemm("N","N",&M,&N,&L,&alpha,A,&LDA,EL,&LDB,&beta,C,&LDC,sizeof(char),sizeof(char)); dgemm("N","T",&M,&N,&L,&alpha,C,&LDA,A,&LDB,&beta,V2,&LDC,sizeof(char),sizeof(char));

EJECUCIÓN Y RENDIMIENTO: MÉTODO

$$SC(i) = \sum_{j} [\gamma_{j}(i)]^{2} \cdot e^{\lambda_{j}}$$
 $\Rightarrow SC = \Gamma^{2} \cdot e^{\Lambda}$

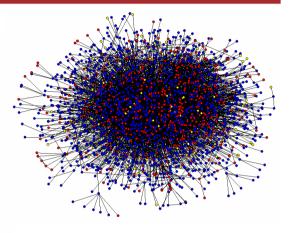
$$SC_{odd}(i) = \sum_{j} \left[\gamma_{j}(i) \right]^{2} \cdot \sinh(\lambda_{j}) \quad \Rightarrow \quad SC_{odd} = \Gamma^{2} \cdot \sinh(\Lambda)$$

$$SC_{even}(i) = \sum_{j} [\gamma_{j}(i)]^{2} \cdot \cosh(\lambda_{j}) \Rightarrow SC_{even} = \Gamma^{2} \cdot \cosh(\Lambda)$$

$$S = -\sum_{i} e_1(i) \cdot \log_2 e_1(i) \qquad \Rightarrow S = -E_1 \cdot \log_2(E_1^T)$$

$$C(p,q) = \sum_{j} \gamma_{j}(p) \cdot \gamma_{j}(q) \cdot e^{\lambda_{j}} \quad \Rightarrow \quad C = \Gamma \cdot e^{\Lambda} \cdot \Gamma^{T}$$

$$C_{conn}(G) = \frac{1}{2 \cdot N_{p,q}} \sum_{j} e^{\lambda_{j}} (v_{j} A v_{j}^{T})$$



+100 Horas

menos de 5 minutos





COMPILADORES

	SD	SC	SVG
F77	f90	f77	pgf77/ifc/g77
F90	f90	f90	pgf90/ifc
F95		f95	ifc
HPF		f90 -hpf	pghpf
C89	c89	CC	pgcc/gcc/icc
C99	cc +AC99		
C++	aCC	CXX	pgCC/g++/icc



COMPILACIÓN: 232 o 64 BITS?

- ⇒ 64 bits necesarios cuando se necesitan más de 2GB de RAM
- ⇒ En coma flotante, no hay casi diferencia de rendimiento
- ⇒ En FORTRAN, pocos problemas. Pero cuidado con la autopromoción de tipos (+i8)
- ⇒ En C más problemático, ya que:

TIPO	32bits	64bits
short	2	2
int	4	4
long	4	8
float	4	4
double	8	8
pointer	4	8

➡ En C los ejecutables son más grandes y pueden necesitar más memoria (p.e., por alineamiento de estructuras)



COMPILADORES: ALGUNOS CONSEJOS

- Detectar las funciones que más consumen con egprof o caliper
- Concentrarse en las funciones que más consumen
- ⇒ No utilizar compilación con profile para cálculo científico
- ➡ Cuidado con las relajaciones en el cálculo (+Ofltacc=relaxed)
- Compilar siempre que se pueda en estático
- Utilizar compilación con instrucciones nativas para la máquina
- ⇒ Es posible (y recomendable) compilar los programas grandes en batch
- ⇒ Los scripts de revisión de tests a veces engañan.





CONCLUSIONES

- ⇒ CESGA da <u>soporte</u> de programación, compilación y ejecución de aplicaciones
- ➡ Gastar tiempo en el algoritmo puede hacer que ganemos tiempo.
- ⇒ Estudiar adecuadamente cual es mejor ordenador para cada cálculo
- ⇒ El resultado no tiene que ser exactamente igual entre arquitecturas
- Utilizar siempre que se pueda librerías nativas
- ⇒ Es posible mejorar el rendimiento de una aplicación binaria
- ⇒ La paralelización no siempre ayuda. A veces hay métodos alternativos mejores.



APLICACIONES CIENTÍFICAS, LIBRERÍAS Y COMPILADORES



CENTRO DE SUPERCOMPUTACIÓN DE GALICIA